

Schlussbericht zuhanden des BAFUs

Fallstudie „Beitrag an die Untersuchung der Regenerierbarkeit von Böden am Beispiel des Golfplatzes Otelfingen“

Beat Frey und Samuel Gunz, Eidg. Forschungsanstalt WSL, 8903 Birmensdorf

Zusammenfassung

Beim Bau von Golfplätzen werden Terrain-Umgestaltungen vorgenommen. Wenn für den Golfplatzbau Fruchtfolgeflächen (FFF) bzw. landwirtschaftlich nutzbare Böden beansprucht werden, stellt sich die Frage, inwieweit diese Veränderungen zu langfristigen Beeinträchtigungen der Bodenfruchtbarkeit führen können. Insbesondere muss sichergestellt werden, dass beim Golfplatzbau beanspruchte FFF nach Regenerationsmassnahmen wieder landwirtschaftlich in Kultur genommen werden können. Mit der vorliegenden Studie wurde untersucht, wie sich eine vier-jährige Regenerationsphase auf die Vielfalt der Bakterien und Pilze in einem beim Golfplatzbau überschütteten Boden auswirkt. Anhand von mikrobiellen Zeigern (Indikatorenarten, z.B. Methanogene) soll der Erfolg der regenerativen Massnahmen abgeschätzt werden.

Vier Jahre nach dem Entfernen des überschütteten Bodens war der Oberboden (0 – 20 cm) in guter Strukturform mit einer verbesserter Belüftung und intensiver Wurzeldurchdringung. Die mikrobiologischen Parameter haben sich teilweise erholt, insbesondere sind die mikrobiellen Zeiger für Verdichtungen fast gänzlich verschwunden. Die Methan-produzierenden Populationen, die klassischen Verdichtungsanzeiger, sind nach der 4-jährigen regenerativen Bewirtschaftung stark zurückgegangen, was darauf hinweist, dass sich die Bodenbedingungen günstig für die sauerstoffliebenden Mikroorganismen entwickelt haben. Die Mikrobiomanalysen zeigen den gleichen Trend. Durch die Regenerationsmassnahmen haben sich die bakteriellen und pilzlichen Lebensgemeinschaften zwischen den verdichteten, regenerierten und den ungeschädigten Vergleichsböden stark angeglichen, aber noch nicht vollständig erholt.

Wir folgern, dass die vier-jährige regenerative Bewirtschaftung zu einer starken Resilienz der bakteriellen und pilzlichen Gemeinsschaften in den zuvor stark verdichteten Böden geführt hat. Die mikrobiellen Verdichtungszeiger sind mehrheitlich verschwunden. Die neuen Bodenbedingungen haben sich durch die starke Durchdringung von Wurzeln und der besseren Durchlüftung günstig für das Pflanzenwachstum entwickelt. Wir folgern, dass durch die Umgestaltungen am Bodenaufbau beim Golfplatzbau beanspruchten FFF nach den 4-jährigen Regenerationsmassnahmen wieder landwirtschaftlich in Kultur genommen werden können.

1. EINLEITUNG

Es ist bekannt, dass mechanische Bodenverdichtungen die Bodenfunktionen negativ beeinflussen. So ist die Belüftung der Böden (Gasaustausch von Sauerstoff und Kohlendioxid) und damit die Fähigkeit des Bodens, als Wurzelraum für Pflanzen zu dienen, stark eingeschränkt. Es wurde gezeigt, dass Gas-Diffusionskoeffizienten und Wurzeldichten des Bodens über Jahrzehnte hinaus keine Anzeichen einer Wiederherstellung nach einer Verdichtung machen. Stark tonhaltige Böden sind extrem empfindlich gegenüber mechanischen Bodenbelastungen und sollten daher besonders geschützt werden.

Bodenverdichtungen können die Bodenqualität und folglich den Pflanzenbau gefährden. Die Ernährungssicherheit der Schweizer Bevölkerung muss auch in Notsituationen wie Kriege oder anderen katastrophalen Ereignissen gewährleistet sein. Während des Zweiten Weltkriegs war der "Wahlen Plan" ein Programm zur Erhöhung der landwirtschaftlichen Kapazität der Schweiz. Seitdem versucht die Schweizer Regierung, sich auf eine ähnliche Situation einzustellen. Es muss genügend fruchtbare Ackerland zur Verfügung stehen, um die Bevölkerung autonom zu ernähren. Daher ist das fruchtbarste Land der Schweiz in einem Pool namens "Fruchfolgefächern" enthalten, nachstehend "Fruchfolgefächern" genannt. als "FFF". Die FFF umfasst eine Gesamtfläche von 438'460 Hektar (4384,6 km²). FFF können unter bestimmten Bedingungen für andere Zwecke als die Landwirtschaft verwendet werden, sofern bestimmte Kriterien erfüllt sind. So müssen beispielsweise ein Gebiet, das Teil des FFF ist, innerhalb einem Jahr nach einer Umgestaltung für die landwirtschaftliche Nutzung zur Verfügung sein.

Fallstudie Golfplatz

Beim Bau von Golfplätzen werden Terrain-Umgestaltungen vorgenommen. So wurde beispielsweise ein Golfplatz in Otelfingen (Schweiz, Kanton Zürich) teilweise auf Böden angelegt, die zum FFF-Pools gehören. **Dabei soll sich die Frage gestellt werden, ob und inwieweit die Umgestaltung die Bodenfruchtbarkeit von FFF beeinflussen.** In Otelfingen betreibt die Migros Genossenschaft Zürich einen Golfpark. Beim Bau der Golfplatzverweiterung Otelfingen ist aus Bodenschutzgründen eine neuartige Bauweise für Geländemodellierungen angewendet worden, indem Erhebungen direkt auf den gewachsenen Boden geschüttet wurden (**Abbildung 1**). Dies erfolgte mit der Absicht, möglichst wenig in den Boden einzugreifen, um ihn im Falle eines Rückbaus möglichst schnell wiederherstellen und beleben zu können.

Mit Blick auf künftige Golfplatzprojekte hat sich die Betreiberin des Golfparkes entschlossen, auf dem Golfplatz Otelfingen beispielhaft zu untersuchen, wie sich die gewählte Bautechnik auf die Regenerierbarkeit der Böden auswirkt. Anhand eines Fallbeispiels auf der Golfplatzverweiterung Otelfingen wurde von der WSL untersucht, in welchem Zustand sich der gewachsene lehmig-tonige Boden nach einer etwa vier-jährigen Überschüttung mit ca. 140 cm Bodenmaterial befindet.

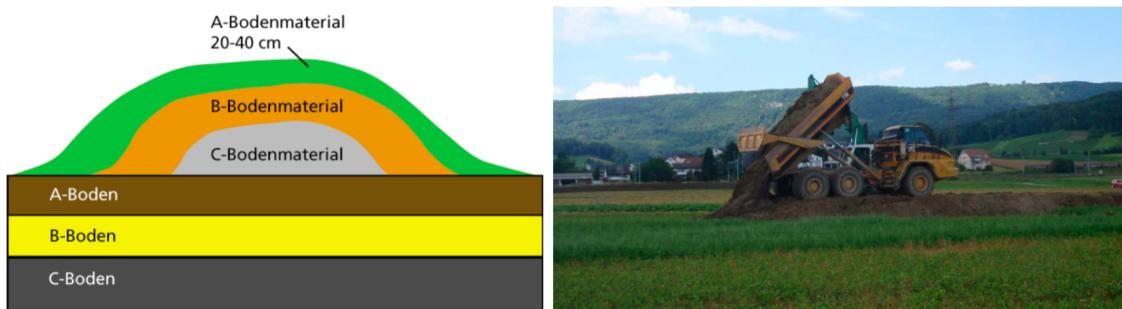


Abbildung 1: Die Ablagerung von Boden auf dem natürlichen Boden soll den Boden schützen

Zu diesem Zweck wurde ein beim Golfplatzbau aufgeschütteter Hügel bis auf die Oberfläche des ursprünglichen gewachsenen Bodens abgetragen; in diesem Moment erfolgte eine erste Serie von Bodenuntersuchungen (1. Termin: „Ausgangszustand“). Eine unmittelbare Beobachtung war eine extreme Verdichtung der ersten Schicht des natürlichen Bodens, die wahrscheinlich durch die hohe Belastung bei der Ablagerung der zusätzlichen Bodenschicht stammt. Danach wurde eine regenerative landwirtschaftliche Bewirtschaftung umgesetzt. Dabei wurde der Boden zunächst bis auf vorgegebene Tiefen mit unterschiedlicher Intensität mechanisch gelockert (Grundbodenbearbeitung mit Grubber bis auf knapp 30 cm Tiefe, intensive Saatbettbereitung mit Kreiselegge bis auf ca. 15 cm Tiefe), anschliessend erfolgte die Einsaat einer besonders intensiv wurzelnden Wiesenmischung (mit Luftstickstoff speichernden Luzernepflanzen).

Im weiteren wurde untersucht, wie sich die Bodenqualität im Verlauf der regenerativen Bewirtschaftung entwickelt. Die Ergebnisse der ersten vier Monate einer regenerativen Bewirtschaftung wurden in einem Bericht zusammengefasst (Weisskopf et al. 2014). Die Bodenatmungstätigkeit wurde um 40% gegenüber dem Kontrollboden und nur halb so viel DNS (mikrobielle Biomasse) wurde extrahiert. Die meisten Organismen waren Methan-produzierende Mikroorganismen (Methanogene), die auf einen Boden mit stark reduzierter Luftzufuhr hinweisen. Diese Populationen produzieren unter sauerstoffarmen Bedingungen Methan und sind somit Zeiger für ungünstige (verdichtete) Bodenverhältnisse (Frey et al. 2011; Frey und Hartmann 2013).

2. PROJEKTZIELE UND METHODISCHES VORGEHEN

Mit der hier vorliegenden Studie wurde untersucht, wie sich eine vier-jährigen Regenerationsphase (**Abbildung 2**) auf die Vielfalt der Bakterien und Pilze in einem beim Golfplatzbau überschütteten Boden auswirkt. Anhand von mikrobiellen Zeigern (Indikatorenarten, z.B. Methanogene) soll der Erfolg der Regeneration abgeschätzt werden. **Dabei soll die Frage beantwortet werden**, ob sich nach der regenerativen Bewirtschaftung bereits spürbare Verbesserungen der Bodeneigenschaften bemerkbar machen. Falls mikrobielle Zeiger für Verdichtungen wie z.B. Methan-produzierende Populationen nach einer vier-jährigen Regenerationsphase im Boden noch erhöht vorkommen würden, wären die Bodeneigenschaften weiterhin ungünstig für sauerstoffliebende Organismen wie Wurzeln und Mykorrhizapilze und somit die

Kulturpflanzen. Falls aber diese Zeiger für Verdichtungen nach vier Jahren Regenerationsphase reduziert wären, würde dies auf eine erfolgreiche Regeneration der Bodeneigenschaften hindeuten (z.B. bessere Durchlüftung und Sauerstoffverfügbarkeit). Dadurch könnte der Erfolg der Regeneration abgeschätzt werden (Frey 2015).



Abbildung 2. Die Situation vor (Mai 2014; obere Abbildungen) und nach einer 4-jährigen regenerativen Bewirtschaftung (Juli 2018; untere Abbildungen) beim Regenerationsversuch Golfplatz Otelfingen. Die Böden zeigen eine gute Strukturform mit einer verbesserten Belüftung, intensiver Wurzeldurchdringung und intensiver Regenwurmaktivität (unten rechts)

Vier Jahre nach dem Umbau wurde eine metagenomische Sequenzierung des verdichteten Bodens zur Analyse der langfristigen Auswirkungen der Bodenverdichtung auf die Vielfalt der Bakterien und Pilze durchgeführt. Bodenproben wurden in den **regenerierten** (verdichtete Böden aber mit regenerativer Bewirtschaftung) und den **ungeschädigten** Vergleichsstandorten (1: ungestört (Kontrolle); 2: ungestört, aber bearbeitet) genommen. Die Böden wurden in einer Tiefe von 0 – 20 cm und 35 - 40 cm entnommen. In diesen Proben wurde die Erbsubstanz (Nukleinsäuren, DNS) extrahiert und quantifiziert. Mittels phylogenetischer Markergene amplifizierten wir Prokaryoten (Bakterien, Archaea) und Pilze aus der

extrahierten DNS. Danach wurde das Bodenmikrobiom (=alle in der Bodenprobe vorhandenen Bakterien, Archaea und Pilze) mittels Hochdurchsatz-Sequenzierung (Illumina MiSeq Platform) untersucht. Die erhaltenen Sequenzdaten wurden mittels einer bioinformatischen Pipeline analysiert. Diese Analysen erlaubten es uns, die Diversität, Struktur, und den Verwandtschaftsgrad der mikrobiellen Populationen im Boden und die Zusammenhänge veränderter mikrobieller Diversität und Bodeneigenschaften zu bestimmen. Die Abundanz der Bakterien (16S rRNA Genkopien) und Pilze (ITS2 rRNA Genkopien) im Boden wurde mittels quantitativer PCR bestimmt. Das Auftreten des funktionellen Markergens *mcrA* (Methyl coenzyme M reductase A) stellvertretend für die Anzahl Methan-produzierender Populationen im Boden wurde ebenfalls mittels quantitativer PCR nachgewiesen.

3. RESULTATE

3.1. DNS Gehalte

Mithilfe von der PicoGreen Methode wurde die Menge der extrahierbaren Erbsubstanz (DNS) im Boden bestimmt. Am Ende der regenerativen Bewirtschaftung im Jahr 2018 konnte im Oberboden immer noch ein Unterschied in der Menge der extrahierten DNS festgestellt werden. Wie in der **Abbildung 3** ersichtlich war der DNS Gehalt im ungestörten Referenzboden leicht höher als im bearbeiteten Kontrollboden und deutlich höher als im verdichteten, bearbeiteten Boden. Im Unterboden war dieser Unterschied weniger deutlich.

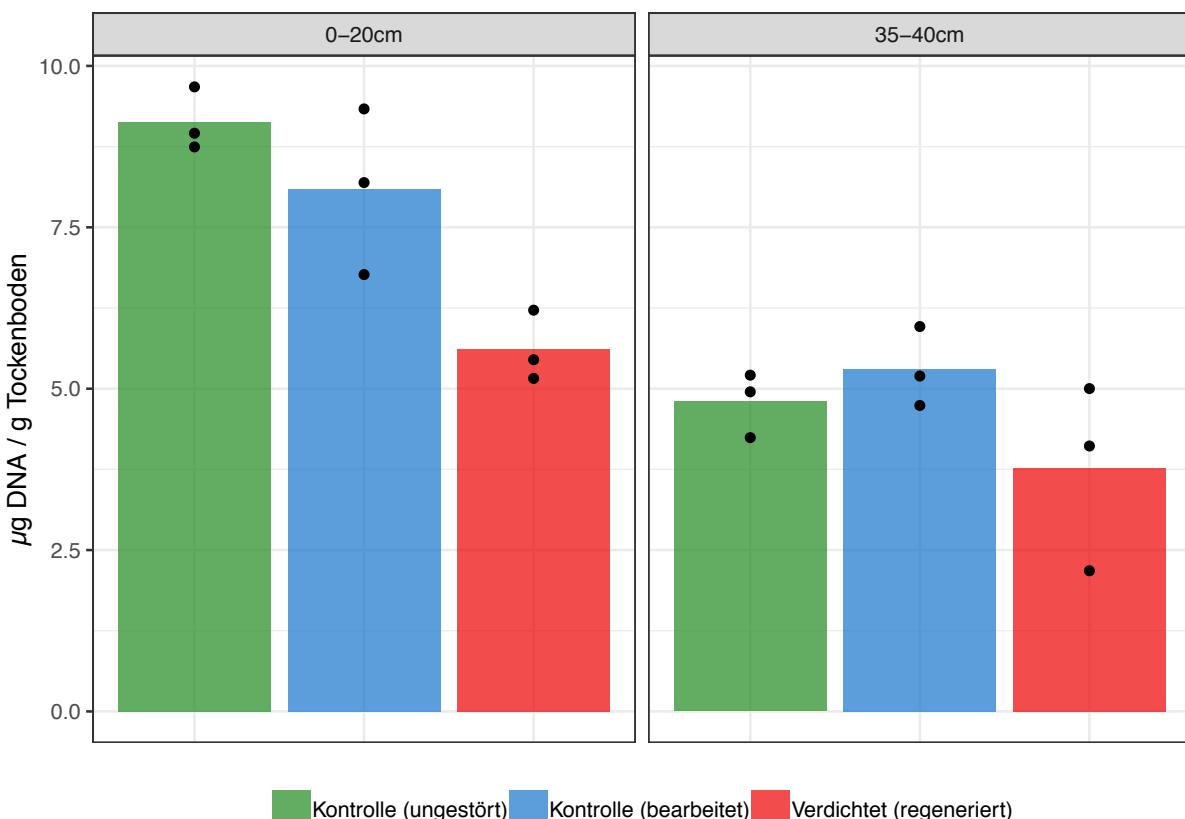


Abbildung 3: Menge an extrahierbarer mikrobieller Erbsubstanz (DNA) in Mikrogramm pro Gramm getrockneten Bodens in den zwei unterschiedlichen Beprobungstiefen am Ende der regenerativen Bewirtschaftung im Jahr 2018 (3 Messwiederholungen). Die DNS Gehalte im Boden liefern eine

Information über den Pool leicht umsetzbarer Biomasse (mikrobielle Biomasse). Die DNS Gehalte in den ungestörten Vergleichsböden (Kontrolle) sind immer noch höher als in den verdichteten, regenerierten Böden.

3.2. Abundanzen (qPCR)

3.2.1 Abundanz der Bakterien und Pilze

Die Abundanz der vorhandenen Bakterien und Pilze am Ende der regenerativen Bewirtschaftung im Jahr 2018 wurde mittels quantitativer PCR für spezifische Markergene bestimmt. **Abbildung 4** zeigt den Vergleich zwischen den verschiedenen Böden und den zwei Tiefen für die beiden Markergene. Die Anzahl der Genkopien ist im Oberboden deutlich höher als im Unterboden, sowohl für das Markergen für die Bakterien, wie auch für die Pilze. Während die Anzahl Genkopien für beide Markergene in den beiden Kontrollböden beinahe identisch ist, sind im verdichtet, regenerierten Boden deutlich weniger Genkopien nachweisbar. Dies ist vor allem im Oberboden der Fall, im Unterboden ist diese Abnahme weniger deutlich.

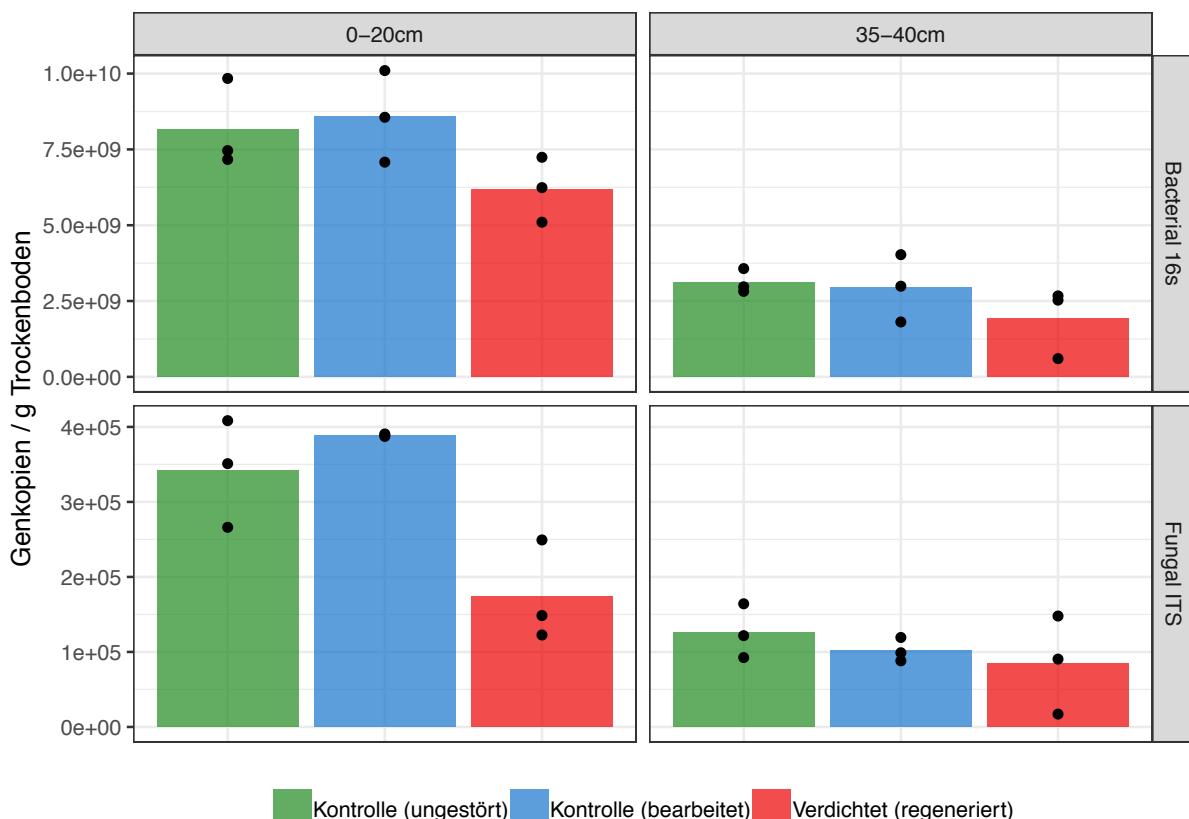


Abbildung 4: Anzahl Genkopien eines für Bakterien (oben) und Pilze (unten) spezifischen Markergens pro Gramm getrockneten Bodens in den zwei unterschiedlichen Beprobungstiefen am Ende der regenerativen Bewirtschaftung im Jahr 2018.

3.2.2. Abundanz der Methan-produzierenden Populationen im Boden (mcrA Genkopien)

Die Methan-produzierenden Populationen im Boden wurden mittels des funktionellen Markergens *mcrA* (Methyl coenzyme M reductase A) nachgewiesen. In der **Abbildung 5** ist ein diagnostisches Werkzeug für den Nachweis des *mcrA* Genes ersichtlich. Die Menge der *mcrA* Genkopien schwankt über die Jahre, aber am Ende der regenerativen Bewirtschaftung im Jahr 2018 hat die Menge stark abgenommen. Dies wurde auch mittels quantitativer PCR nachgewiesen, wie auf der **Abbildung 6** gezeigt wird. Zudem ist ersichtlich, dass die Menge des *mcrA* im verdichteten, bearbeiteten Boden kaum mehr höher ist nach der 4-jährigen Regenerationsperiode als in den unbearbeiteten Vergleichsböden.

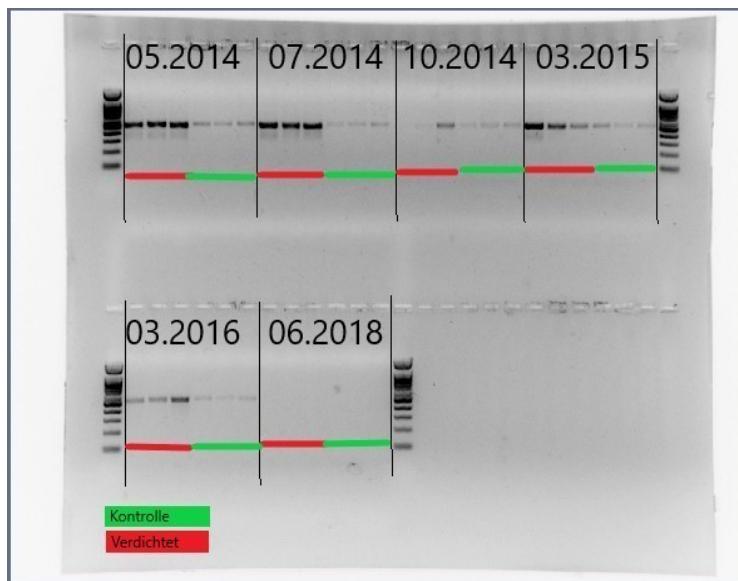


Abbildung 5: Nachweis des funktionellen Markergens *mcrA* mit Hilfe einer Gelektrophorese im verdichteten, regenerierten Boden (rot) und der Kontrolle (grün) während der regenerativen Bewirtschaftung. Die Intensität der dunklen Banden korreliert mit der Menge des vorhandenen Genes.

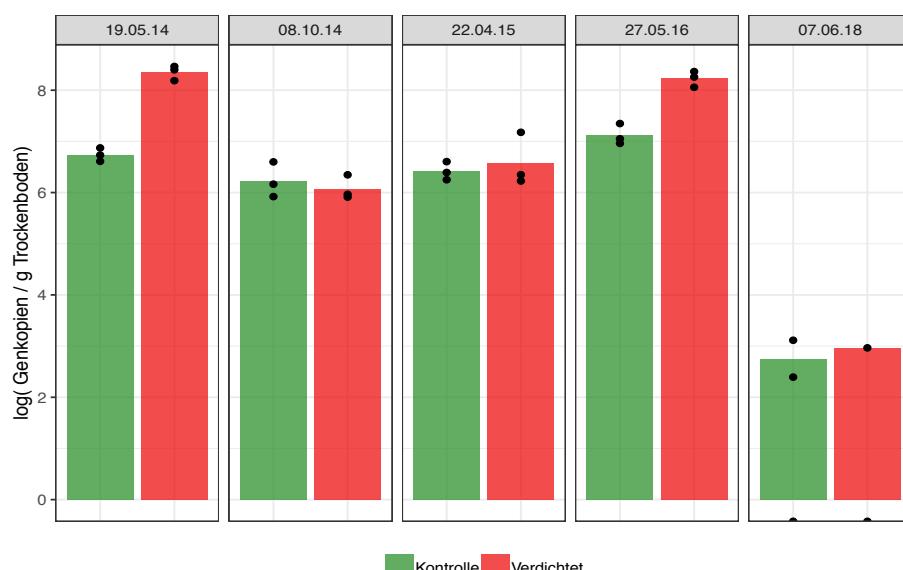


Abbildung 6: Logarithmierter Betrag der Anzahl Genkopien des funktionellen Markergens *mcrA* pro Gramm getrockneten Bodens während der regenerativen Bewirtschaftung.

3.3. Bakterien: Artenvielfalt und Zusammensetzung

3.3.1. Alpha-Diversität

Abbildung 7 zeigt die Anzahl Arten (Richness), den Shannon Diversity Index und die Evenness für die Bakterien in den Bodenproben im Oberboden nach der 4-jährigen regenerativen Bewirtschaftung. Es ist ersichtlich, dass die drei Indizes für die Alpha-Diversität in bearbeiteten Böden, dem bearbeiteten Kontrollboden, sowie dem verdichteten, bearbeiteten Boden höher ist als im ungestörten Referenzboden.

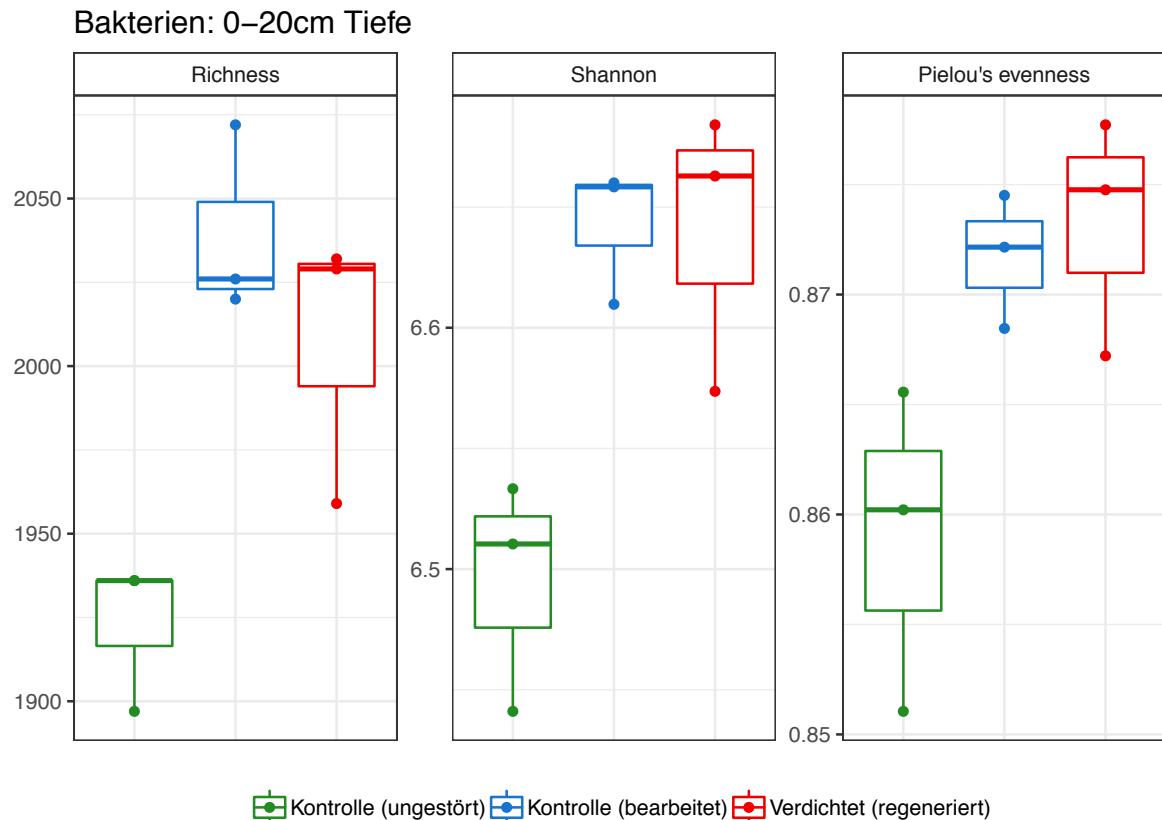


Abbildung 7: Drei verschiedene Indizes der Alpha-Diversität: die Anzahl Taxa (Arten), der Shannon und der Evenness Index für die Bakterien in den Bodenproben des Oberbodens (0-20cm) nach der 4-jährigen regenerativen Bewirtschaftung im Jahr 2018. Eine höhere Artenvielfalt in den bearbeiteten Böden ist eine Folge der mechanischen Bearbeitung im Vergleich zum ungestörten Kontrollboden, was in Übereinstimmung mit der Intermediate Disturbance Hypothesis ist.

3.3.2. Beta Diversität der Bakterien (Zusammensetzung der bakteriellen Lebensgemeinschaften)

Die Ähnlichkeit verschiedener Populationen wurde Mithilfe einer Hauptkomponentenanalyse dargestellt. In einer Hauptkomponentenanalyse oder PCoA haben einander näher gelegene Datenpunkte auch ähnlichere Eigenschaften. Schaut man sich die **Abbildung 8** an wird ersichtlich, dass sich besonders die verdichtete, regenerierte Fläche im Oberboden von den anderen zwei Referenzflächen unterscheidet. Dies ist im Unterboden weniger der Fall, dort ist aber eine grössere Streuung in den bearbeiteten Flächen, der Kontrolle und der verdichteten Fläche ersichtlich.

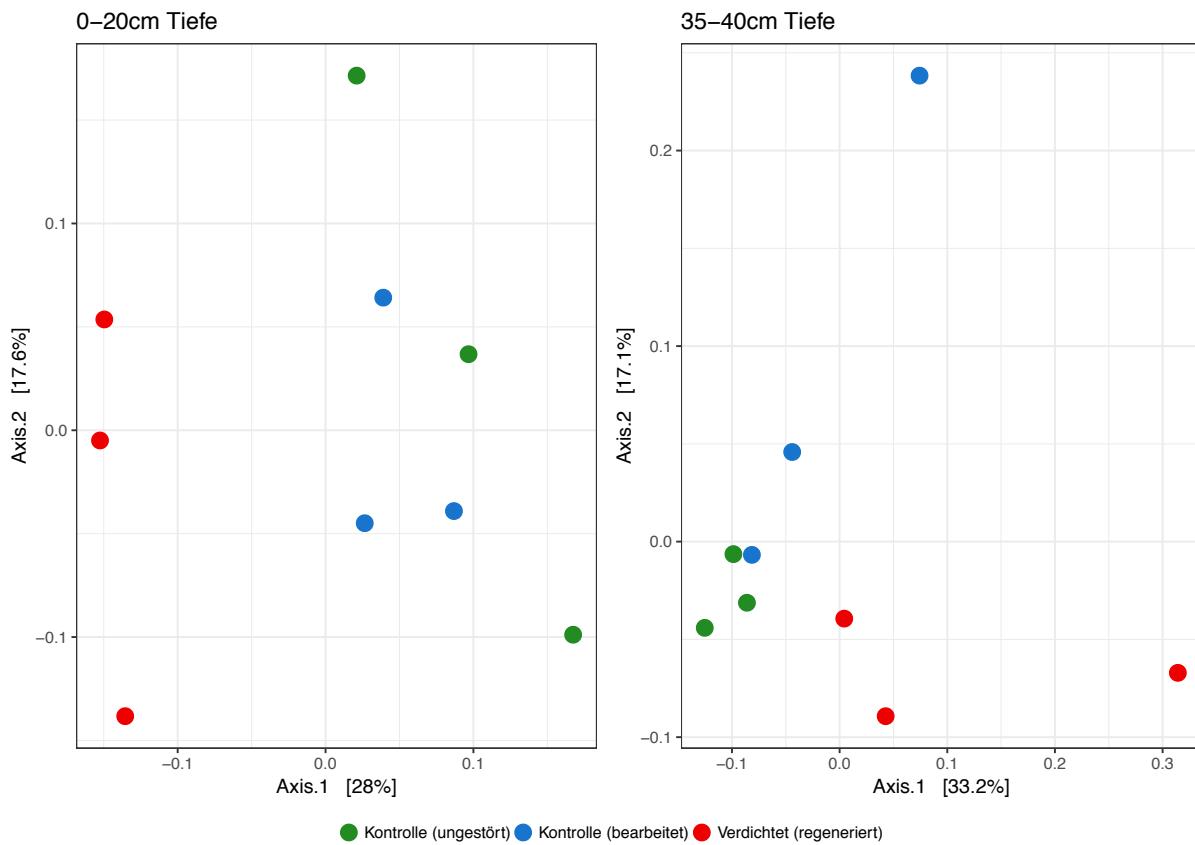


Abbildung 8: Vergleich der bakteriellen Gemeinschaften in den verschiedenen Beprobungstiefen nach der 4-jährigen regenerativen Bewirtschaftung im Jahr 2018. Jeder Datenpunkt dieser Hauptkomponentenanalyse repräsentiert die bakterielle Gemeinschaft einer Bodenprobe, einander nähere gelegene Datenpunkte haben ähnlichere Gemeinschaften. Die bakteriellen Gemeinschaften in den verdichteten, regenerierten Flächen unterscheiden sich noch von den Vergleichsflächen, haben sich aber diesen stark angeglichen im Vergleich zu einer früheren Regenerationsphase.

Die taxonomische Zusammensetzung der Böden ist in der **Abbildung 9** ersichtlich. Die Zusammensetzung der Bakterien auf höchster taxonomischer Stammesebene (Phylum) sind sehr ähnlich in allen Proben des Oberbodens (**Abbildung 9**). Die Zusammensetzung der bakteriellen Gemeinschaften ist typisch für einen natürlichen Graslandboden. Um "mikrobielle Zeiger für Verdichtung" nachweisen zu können braucht es eine Bestimmung auf tieferen taxonomischen Ebene mit besser Auflösung (Ebene Gattung). Dazu wurde eine differentielle Häufigkeitsanalyse durchgeführt, die eine Ansammlung von Gattungen (Arten) in den verdichteten, regenerativen Proben nach den 4-jährigen Regenerationsmassnahmen anzeigen.

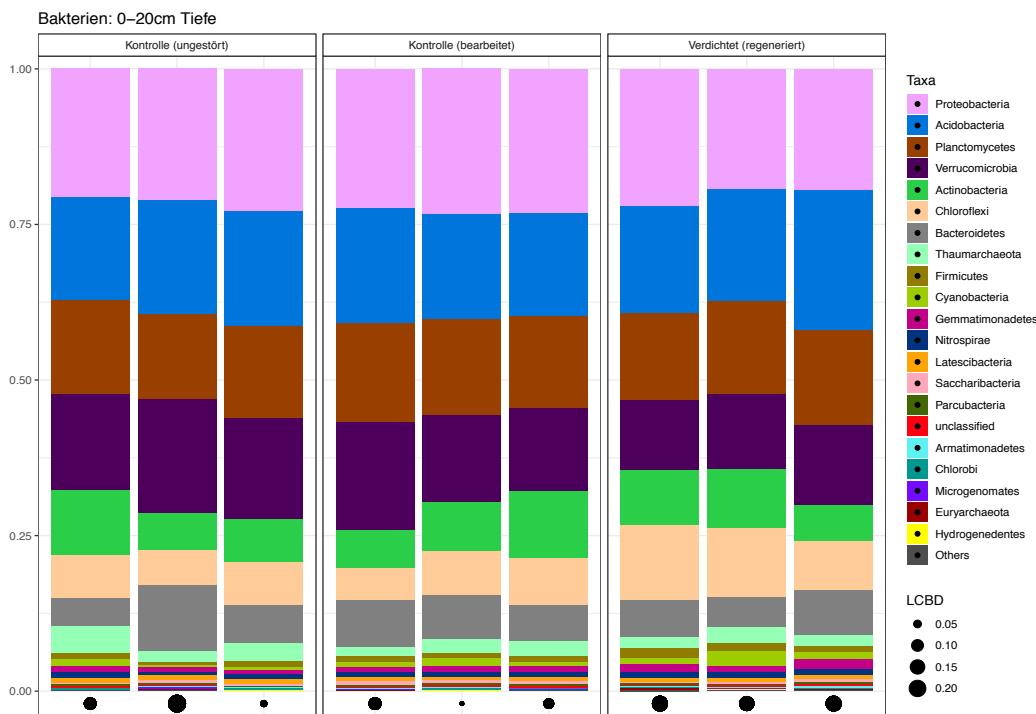


Abbildung 9: Taxonomische Zusammensetzung in den verschiedenen Proben des Oberbodens (0-20cm) auf Stammesebene (Phylum). Die Legende zeigt die am 21 häufigsten vorkommenden bakteriellen Phyla. Der lokale Beitrag zur Beta-Diversität (LCBD) wird durch die Größe des Kreises unterhalb der Balken dargestellt

3.3.3. Differentielle Häufigkeitsanalyse der Bakterien

Die folgenden **Tabellen 1** und **2** zeigen eine differentielle Häufigkeitsanalyse zwischen dem ungestörten Kontrollboden und dem verdichteten, regenerierten Boden nach einer 4-jährigen regenerativen Bewirtschaftung im Jahr 2018. Gezeigt sind alle signifikant unterschiedlichen Bakterien Genera (Arten) und in welchem Boden diese vermehrt auftreten (Spalte «upregulated»). Die beiden Tabellen unterscheiden zwischen Ober- und Unterboden und informieren über die mikrobiellen Zeiger der entsprechenden Böden.

Tabelle 1: Signifikant unterschiedlich häufig vorkommende Bakterien Gattungen im Oberboden (0 – 20 cm). Vergleich zwischen dem verdichteten Boden und dem Kontrollboden nach der 4-jährigen regenerativen Bewirtschaftung im Jahr 2018. Einzig das *Methanobacterium* ist ein klassischer Verdichtungszeiger, weil er unter sauerstofflimitierenden Verhältnissen wächst und Methan produzieren kann. Es können sich hier aber auch um dormante Zellen handeln, die noch aus früheren anaeroben Verhältnissen gegenwärtig sein können.

	baseMean	log2FoldChange	pvalue	padj	Upregulated
<i>Methanobacterium</i>	9.73467017	4.1928737	0.00018722	0.02333968	Verdichtet (regeneriert)
<i>Flavisolibacter</i>	59.9690985	1.6725152	0.00101905	0.07622505	Verdichtet (regeneriert)
<i>Massilia</i>	21.3126581	2.00606215	0.00056414	0.05274686	Verdichtet (regeneriert)
<i>Flavobacterium</i>	152.576418	-1.9249468	0.00018291	0.02333968	Kontrolle (ungestört)
<i>uncultured_Acidobacteriaceae_bacterium</i>	90.614825	2.01544327	3.26E-05	0.01218179	Verdichtet (regeneriert)

Tabelle 2: Signifikant unterschiedlich häufig vorkommende Bakterien Gattungen im Unterboden (35 – 40 cm). Vergleich zwischen dem verdichteten Boden und dem Kontrollboden nach der 4-jährigen regenerativen Bewirtschaftung im Jahr 2018.

	<i>baseMean</i>	<i>log2FoldChange</i>	<i>pvalue</i>	<i>padj</i>	<i>Upregulated</i>
<i>Acinetobacter</i>	4.93993266	3.04644657	0.01189732	0.09750755	Verdichtet (regeneriert)
<i>Cystobacter</i>	7.9102119	-3.8606252	0.00028025	0.00733326	Kontrolle (ungestört)
<i>Butiauxella</i>	4.68421281	2.97737398	0.01264402	0.09750755	Verdichtet (regeneriert)
<i>Frankia</i>	6.42139998	3.4781248	0.00122176	0.02397698	Verdichtet (regeneriert)
<i>Tumebacillus</i>	11.7059409	-1.6093726	0.01152093	0.09750755	Kontrolle (ungestört)
<i>Methanobacterium</i>	7.30777827	2.85033619	0.01118811	0.09750755	Verdichtet (regeneriert)
<i>Geobacter</i>	17.8881458	-1.9163431	0.00080458	0.01804548	Kontrolle (ungestört)
<i>Microcoleus</i>	13.1234376	4.57379233	7.57E-06	0.00118777	Verdichtet (regeneriert)
<i>Flavisolibacter</i>	29.1024807	1.82868964	0.00010656	0.00418255	Verdichtet (regeneriert)
<i>Devosia</i>	10.2854845	1.65953277	0.01304241	0.09750755	Verdichtet (regeneriert)
<i>Massilia</i>	13.4644673	2.72989127	5.43E-05	0.00283956	Verdichtet (regeneriert)
<i>Paenisporosarcina</i>	23.6821293	-1.4583991	0.00492307	0.06441021	Kontrolle (ungestört)
<i>Candidatus_Entotheonella</i>	72.3381938	-1.099267	0.01250425	0.09750755	Kontrolle (ungestört)
<i>Candidatus_Alysiosphaera</i>	22.18116	-1.3639507	0.01084387	0.09750755	Kontrolle (ungestört)
<i>uncultured_Acidobacteria_bacterium</i>	85.0252574	0.92082857	0.0054938	0.06634819	Verdichtet (regeneriert)
<i>Mycobacterium</i>	78.132605	-1.1280452	0.00234468	0.03346502	Kontrolle (ungestört)
<i>Sphingomonas</i>	134.327768	1.39624224	2.70E-05	0.00212004	Verdichtet (regeneriert)
<i>uncultured_Prosthecobacter_sp.</i>	155.907301	-0.7645737	0.01274206	0.09750755	Kontrolle (ungestört)
<i>Candidatus_Xiphinemaobacter</i>	711.946548	-1.1180098	0.00017728	0.00556644	Kontrolle (ungestört)

3.4. Pilze: Artenvielfalt und Zusammensetzung

3.4.1. Alpha-Diversität

In der **Abbildung 10** sind die Arten (Richness), den Shannon Diversity Index und die Eveness für die Pilze in den Bodenproben im Oberboden am Ende der regenerativen Bewirtschaftung im Jahr 2018 ersichtlich.

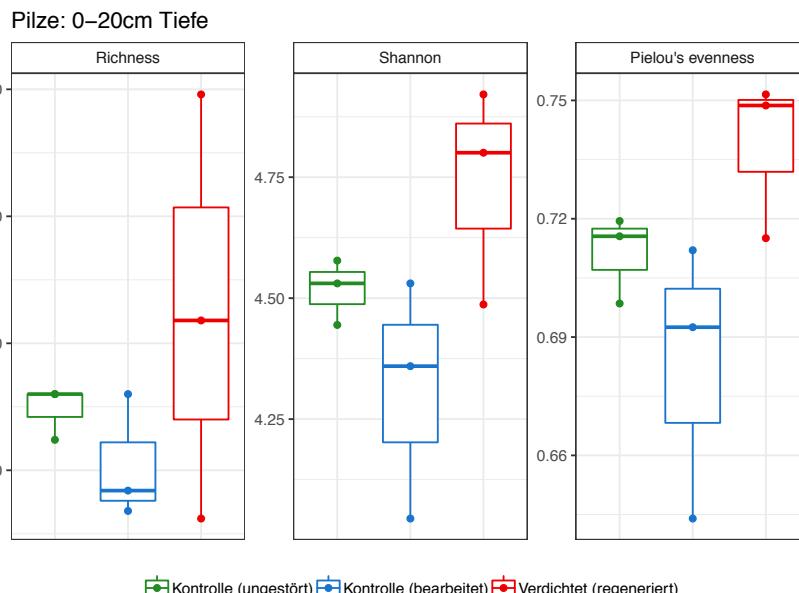


Abbildung 10: Drei verschiedene Indizes der Alpha-Diversität: die Anzahl OTU, der Shannon und der Evenness Index für die Pilze in den Bodenproben des Oberbodens (0-20cm) nach der 4-jährigen regenerativen Bewirtschaftung im Jahr 2018. Die verdichtet, regenerierte Probe unterscheidet sich von der

ungestörten Kontrolle insofern, dass sie zwar eine tendenziell höhere Alpha-Diversität aufweist, die Streuung der Daten in dieser Probe aber auch am grössten ist, wohingegen der bearbeitete Kontrollboden eine tendenziell tiefere Alpha-Diversität aufweist.

3.4.2. Beta Diversität (Zusammensetzung der pilzlichen Lebensgemeinschaften)

Wie schon bei den Bakterien wurde die Ähnlichkeit der Gemeinschaft der Pilze in den Proben mit einer Hauptkomponentenanalyse festgestellt. Aus **Abbildung 11** geht hervor, dass sich die Gemeinschaften auch am Ende der regenerativen Bewirtschaftung im Jahr 2018 voneinander unterscheiden. Während die Proben des ungestörte Kontrollboden sehr nah beieinander sind und daher einander stark ähnlich sind weisen die bearbeiteten Proben sowohl im Unter-, als auch im Oberboden eine starke Streuung auf.

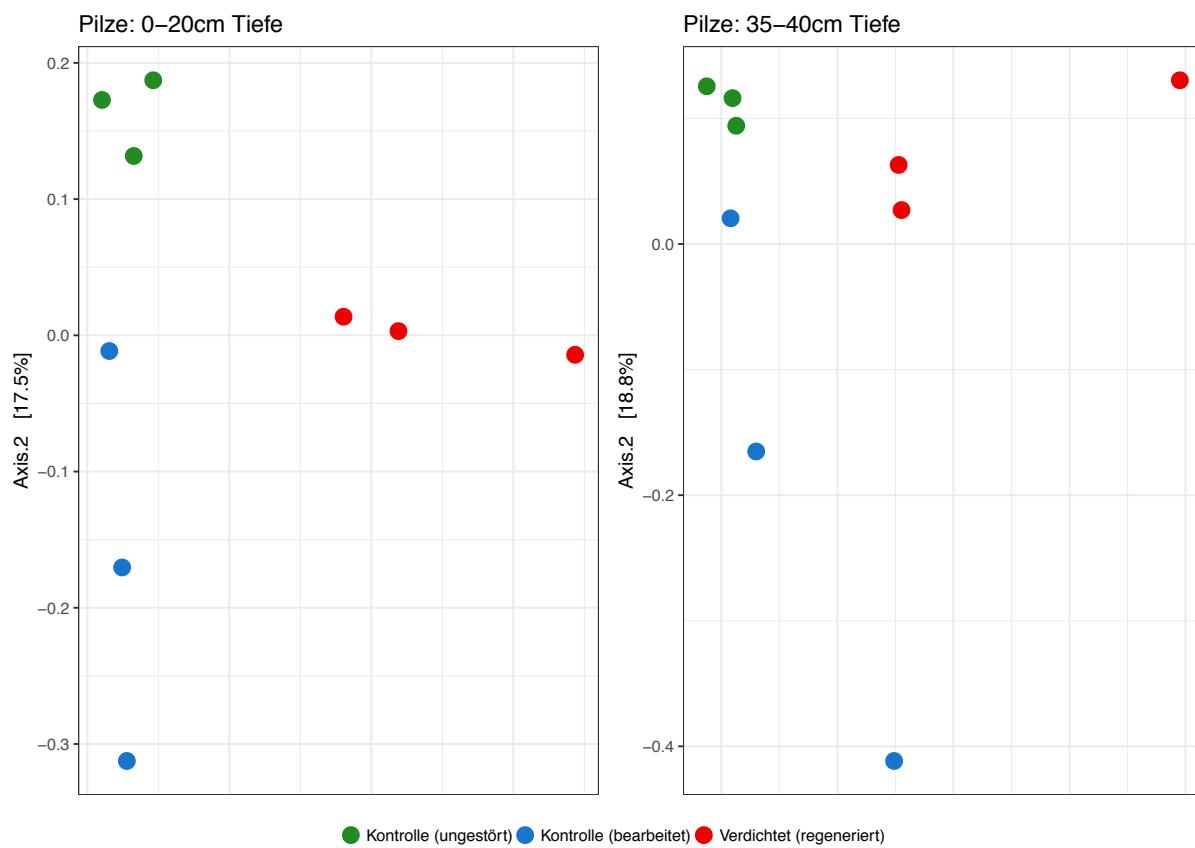


Abbildung 11: Vergleich der Gemeinschaften der Pilze in den zwei verschiedenen Beprobungstiefen nach der 4-jährigen regenerativen Bewirtschaftung im Jahr 2018. Jeder Datenpunkt dieser Hauptkomponentenanalyse repräsentiert die Gemeinschaft der Pilze einer Bodenprobe, einander nähere gelegene Datenpunkte haben ähnlichere Gemeinschaften.

Die taxonomische Zusammensetzung der Böden ist in der **Abbildung 12** ersichtlich. Die Pilze sind in den Abbildungen bis auf die taxonomischen Klassenebene bestimmt. In den verdichteten, bearbeitenden Böden finden wir eine stärkere Ansammlung von *Agaricomycetes* (grün) vor. Grundsätzlich gehören sauerstoffliebende Pilze und Mykorrhiza-Pilze zu dieser Klasse.

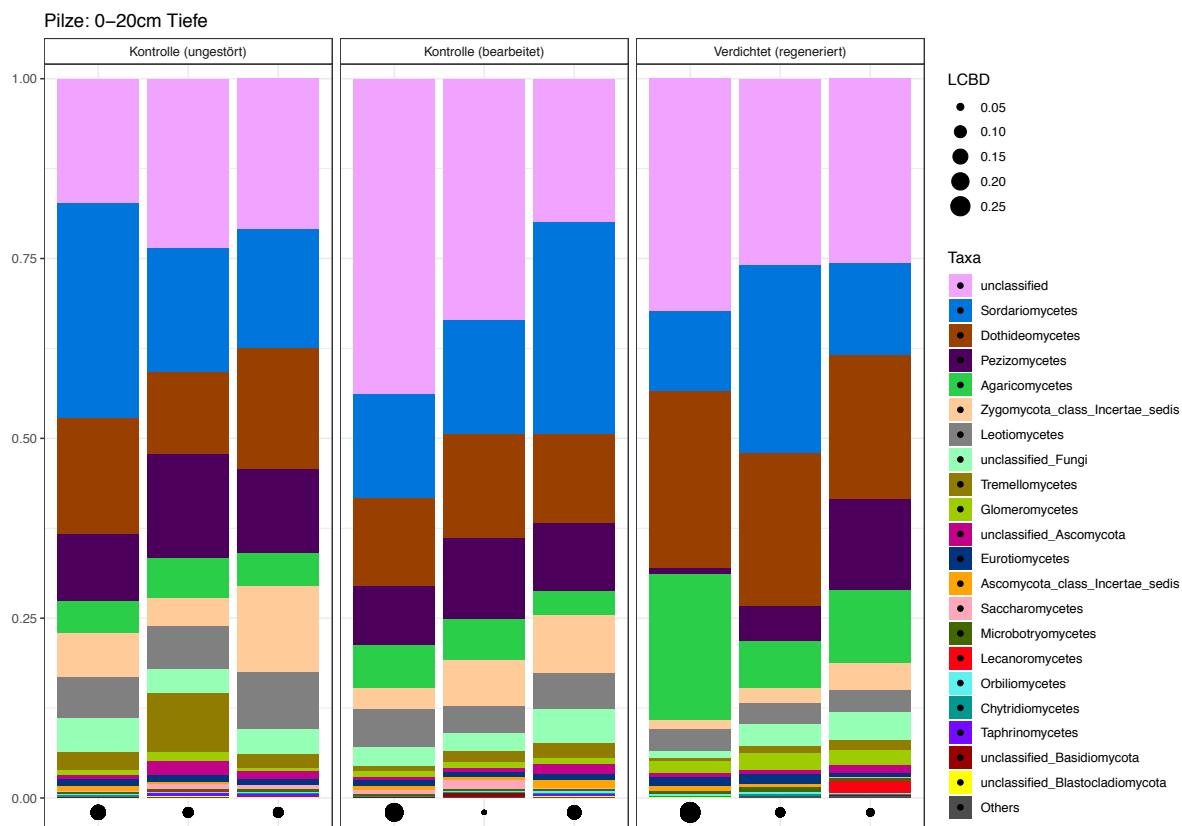


Abbildung 12: Taxonomische Zusammensetzung in den verschiedenen Proben des Oberbodens (0-20cm) auf Klassenebene. Die Legende zeigt die am 21 häufigsten vorkommenden Taxa. Der lokale Beitrag zur Beta-Diversität (LCBD) wird durch die Größe des Kreises unterhalb der Balken dargestellt.

3.4.3. Differentielle Häufigkeitsanalyse der Pilze

Die folgenden **Tabelle 3** zeigt eine differentielle Häufigkeitsanalyse zwischen dem ungestörten Kontrollboden und dem verdichteten, regenerierten Boden im Oberboden nach einer 4-jährigen regenerativen Bewirtschaftung im Jahr 2018. Gezeigt sind alle signifikant unterschiedlichen Pilz Genera und in welchem Boden diese vermehrt auftreten (Spalte «upregulated»).

Tabelle 3: Signifikant unterschiedlich häufig vorkommende Pilz Gattungen im Oberboden (0 – 20 cm). Vergleich zwischen dem verdichteten Boden und dem Kontrollboden nach der 4-jährigen regenerativen Bewirtschaftung im Jahr 2018.

	<i>baseMean</i>	<i>log2FoldChange</i>	<i>pvalue</i>	<i>padj</i>	<i>Upregulated</i>
<i>Eocronartium</i>	6.63227919	3.56129684	0.00880098	0.04932394	Verdichtet (regeneriert)
<i>Pycnora</i>	12.5637017	4.53809915	0.00397451	0.02543687	Verdichtet (regeneriert)
<i>Phomopsis</i>	14.0194971	-4.6387442	0.00089145	0.00713162	Kontrolle (unperturbed)
<i>Psathyrella</i>	17.4842876	-3.9315766	0.00041223	0.00439715	Kontrolle (unperturbed)
<i>Thanatephorus</i>	12.5399074	-4.4727157	0.00026946	0.00331645	Kontrolle (unperturbed)
<i>Protomyces</i>	24.0773441	-4.707048	1.61E-05	0.00064556	Kontrolle (unperturbed)
<i>Russula</i>	41.5637017	6.30395799	0.00022013	0.00293502	Verdichtet (regeneriert)
<i>Epulorhiza</i>	21.6793959	-4.8735958	2.36E-05	0.00075603	Kontrolle (unperturbed)
<i>unclassified_Ceratobasidiaceae</i>	18.7303683	-5.070035	0.0012411	0.00902616	Kontrolle (unperturbed)

<i>Ascochyta</i>	18.2014259	3.58064116	0.00040664	0.00439715	Verdichtet (regeneriert)
<i>Entrophospora</i>	27.4773408	3.75157141	0.0001417	0.00242964	Verdichtet (regeneriert)
<i>Sporobolomyces</i>	12.5823145	2.4828132	0.00924824	0.04932394	Verdichtet (regeneriert)
<i>Exidia</i>	41.6954743	4.88832738	0.0006916	0.00642942	Verdichtet (regeneriert)
<i>Mrakiella</i>	24.7246712	-3.1789706	0.00135828	0.00944889	Kontrolle (ungestört)
<i>Phlogcylindrium</i>	46.397035	6.46444151	0.00016704	0.00242964	Verdichtet (regeneriert)
<i>Massarina</i>	61.5937531	3.86968682	0.00076349	0.00642942	Verdichtet (regeneriert)
<i>Glomerobolus</i>	32.1208434	5.92796744	4.95E-05	0.00131908	Verdichtet (regeneriert)
<i>Curvularia</i>	62.3005086	-3.674855	0.00011655	0.00233104	Kontrolle (ungestört)
<i>Exophiala</i>	40.0201302	2.96726371	0.0045531	0.02801908	Verdichtet (regeneriert)
<i>Phaeosphaeriopsis</i>	22.9416029	3.41396625	0.00065878	0.00642942	Verdichtet (regeneriert)
<i>Clohesyomyces</i>	26.5221214	3.44126442	0.00285008	0.01900053	Verdichtet (regeneriert)
<i>Humicola</i>	59.6957474	-3.0498952	0.00608666	0.03606911	Kontrolle (ungestört)
<i>Clavaria</i>	116.552413	4.68196673	7.26E-05	0.00165934	Verdichtet (regeneriert)
<i>Tirispora</i>	69.0660578	2.3667846	0.00919739	0.04932394	Verdichtet (regeneriert)
<i>unclassified_Phyllachoraceae</i>	120.836606	-5.0790108	3.26E-09	2.60E-07	Kontrolle (ungestört)
<i>unclassified_Pleosporales</i>	134.757062	3.57577708	0.0001653	0.00242964	Verdichtet (regeneriert)
<i>Trichosporon</i>	237.396193	-5.4962333	1.63E-07	8.70E-06	Kontrolle (ungestört)
<i>Coprinellus</i>	412.660565	3.45212736	0.00105426	0.00803244	Verdichtet (regeneriert)
<i>Tetracladium</i>	428.660776	-2.6866981	0.00072391	0.00642942	Kontrolle (ungestört)

3.4.4. Funktionelle Pilzgruppen („FUNGILD“)

Nachdem die Pilze taxonomisch bestimmt wurden, wurde die Taxonomie mit dem Onlinetool «FUNGuild» abgeglichen. Dieses Tool vergleicht die Taxonomie mit publizierter Literatur und versucht jedem Taxa eine funktionelle Gruppe zuzuweisen. **Abbildung 17** zeigt die Alpha Diversität einer Auswahl der von «FUNGuild» bestimmten funktionellen Gruppen und vergleicht die verschiedenen Bodenproben.

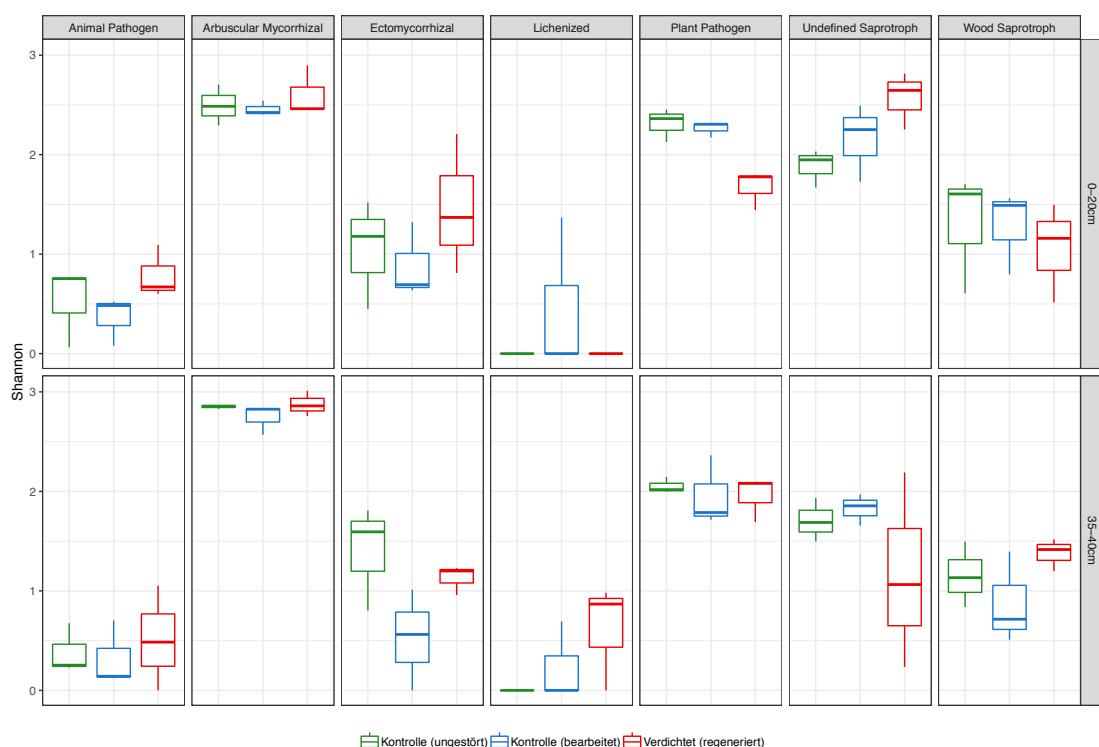


Abbildung 13: Vergleich der Diversität gemessen am Shannon Index für verschiedene funktionelle Gruppen innerhalb der Pilze in den Bodenproben (0 - 20cm; 35 - 40 cm Bodentiefe) nach einer 4-jährigen regenerativen Bewirtschaftung. Im Oberboden haben in den verdichteten, regenerierten Böden vor allem die Mykorrhiza-Pilze und saprobe Pilze im Vergleich zu den ungestörten Referenzböden zugenommen.

4. SCHLUSSFOLGERUNGEN

Wenn für einen Golfplatzbau Fruchtfolgeflächen (FFF) bzw. landwirtschaftlich nutzbare Böden beansprucht werden, stellt sich die Frage, inwieweit diese Veränderungen am Bodenaufbau zu langfristigen Beeinträchtigungen der Bodenfruchtbarkeit führen können. Insbesondere muss sichergestellt werden, dass beim Golfplatzbau beanspruchte FFF innerhalb einer gewissen Zeit wieder landwirtschaftlich in Kultur genommen werden könnten.

Die Bodenbedingungen haben sich durch die intensiv bearbeiteten Oberbodenschicht und die Ansaat einer Wiesenmischung im Verlaufe eines Jahres signifikant verbessert. Die Wurzeln der Luzerne haben den verdichteten Boden stark durchwurzelt. Diese Regenerationsmassnahmen haben im speziellen auch die Durchlüftung des Bodens stark verbessert. So sind die Methan-produzierenden Populationen in verdichteten, aber regenerierten Böden stark zurückgegangen und nach den 4-jährigen Regenerationsmassnahmen kaum mehr erhöht gegenüber den Vergleichsböden. Das Auftreten von Methan-produzierenden Populationen im Boden ist ein guter Indikator für lebensfeindliche Bedingungen (eingeschränkter Gasaustausch, Sauerstoffmangel -- Schaden) im Boden (Frey 2011; Frey et al. 2011; Frey und Hartmann 2013). Wir folgern, dass das anaerobe Bodenmilieu für die Methan-produzierenden Populationen durch die 4-jährige regenerative Bewirtschaftung ungünstig wurde respektive, dass eine verbesserte Bodenstruktur zu einem günstigeren Bodenmilieu für aerobe Lebensprozesse führte.

Die mikrobielle Biomasse (gemessen an der Menge extrahierter DNS) und die Häufigkeit von Bakterien und Pilze hat sich in den verdichteten, regenerierten Böden etwas erholt aber noch sind die Werte unter denen der ungestörten Vergleichsböden. Die DNS Gehalte im Boden liefern eine Information über den Pool leicht umsetzbarer Biomasse (mikrobielle Biomasse). Durch die Regenerationsmassnahmen haben sich die bakteriellen und pilzlichen Lebensgemeinschaften zwischen den verdichteten-regenerierten und den ungestörten Vergleichsböden angeglichen, wenn auch noch nicht vollständig erholt haben. Das bedeutet, dass das Bodenmilieu günstiger (z.B. bessere Durchlüftung und dadurch gute Sauerstoffverfügbarkeit durch günstigere Bodenstruktur) für sauerstoffliebende Organismen wie Mykorrhizapilze und Wurzeln geworden ist. Vor allem die molekulargenetischen Analysen zeigten, dass die Sticksstofffixierer (Rhizobien) und die Mykorrhizen-Pilze durch den Anbau von Luzerne gefördert wurden.

Zusammenfassend halten wir fest, dass die 4-jährige regenerative Bewirtschaftung zu einer Resilienz der bakteriellen und pilzlichen Gemeinsschaften in den zuvor stark verdichteten Böden führte. Die „mikrobiellen Verdichtungszeiger“ sind mehrheitlich verschwunden. Die neuen Bodenbedingungen haben sich durch die starke Durchdringung von Wurzeln und der besseren Durchlüftung günstig für das Pflanzenwachstum entwickelt. Wir folgern, dass durch die Umgestaltungen am Bodenaufbau beim Golfplatzbau beanspruchten FFF nach den 4-jährigen Regenerationsmassnahmen wieder landwirtschaftlich in Kultur genommen werden können.

5. LITERATUR

- Frey B. (2010) Bewertung von Bodenveränderungen durch Befahrung in Waldböden mittels bakteriellen Populationen. Schweizerische Zeitschrift für Forstwesen 161: 498 – 503.
- Frey B. (2015) Schutz der Boden-Biodiversität – Auswirkungen des Einsatzes von Holzerntemaschinen auf das Bodenmikrobiom. Bodenschutz im Wald. Forum Boden – Gewässer - Altlasten. Osnabrück 30. Oktober 2015.
- Frey B., Hartmann M. (2013). Biodiversität von Waldböden – Auswirkungen des Einsatzes von Holzerntemaschinen auf mikrobielle Gemeinschaften. Forum für Wissen, WSL Birmensdorf, 61 – 69.
- Frey B., Niklaus P.A., Kremer J., Lüscher P. Zimmermann S. (2011) Heavy-machinery traffic impacts methane emissions as well as methanogen abundance and community structure in oxic forest soils. Applied and Environmental Microbiology 77: 6060 - 6068.
- Hartmann M, Niklaus PA, Zimmermann S, Schmutz S, Kremer J, Abarenkov K, Lüscher P., Widmer F., Frey B. (2014) Resistance and resilience of the forest soil microbiome to logging-associated compaction. The ISME Journal 8: 226 – 244.
- Weisskopf P., Zihlmann U., Oberholzer H-R, Frey B. (2014) Fallstudie „Regeneration Golfplatz Otelfingen“: Ergebnisse der ersten Regenerationsphase. Dezember 2014.